

AAV TYPES 2 & 5 % INHIBITION + HEPARIN (20 μ g/ml)

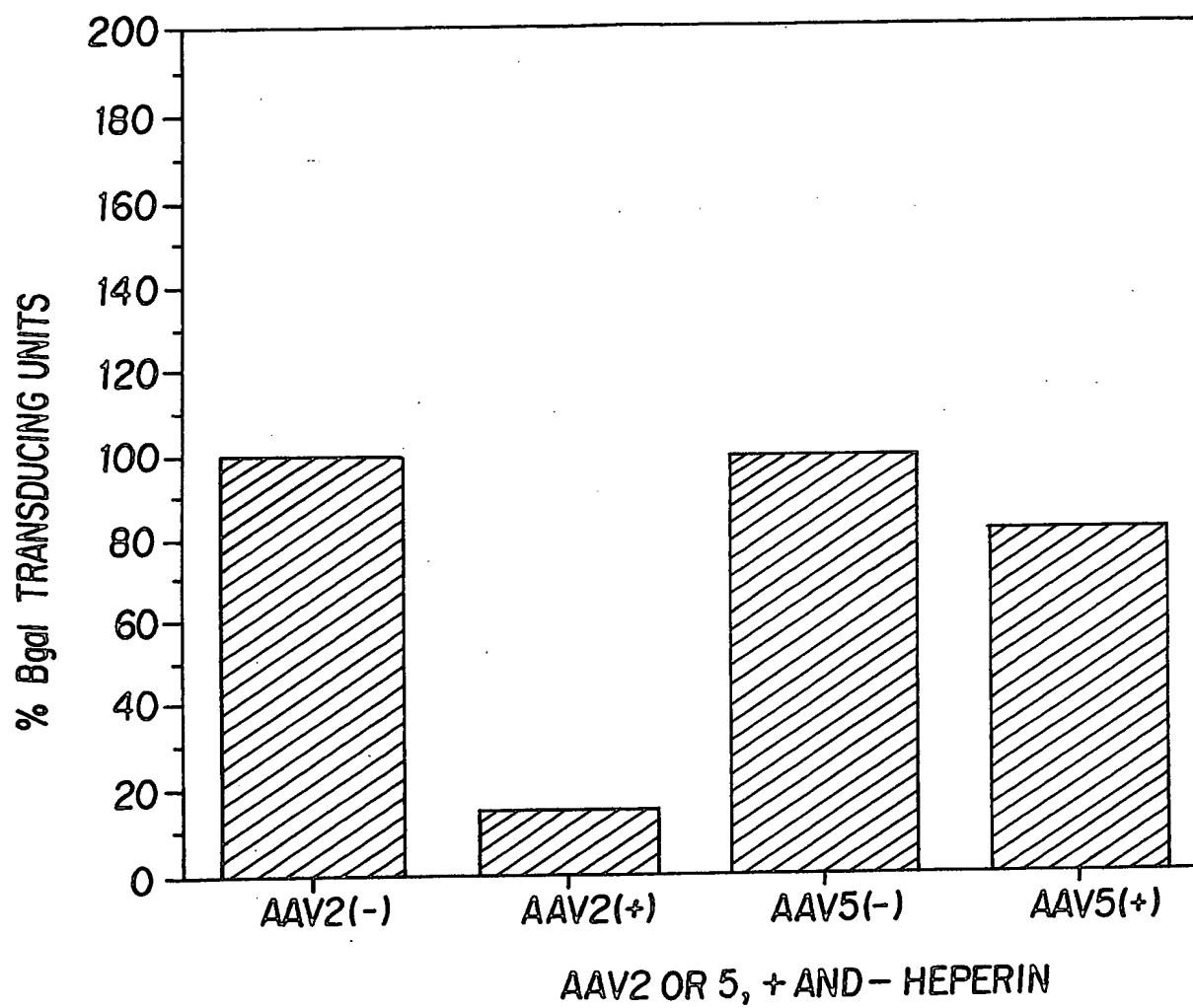


FIG. 1

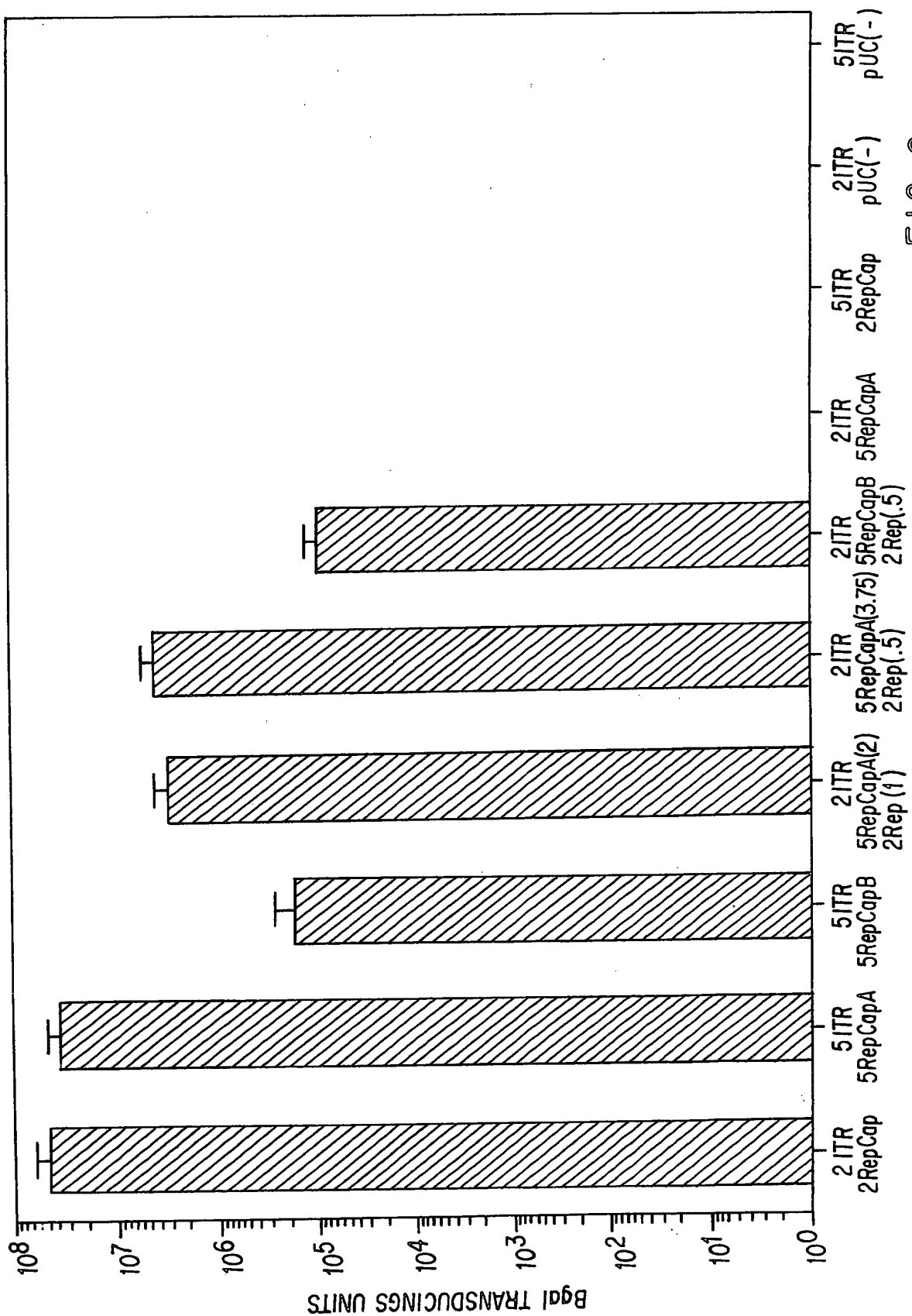


FIG. 2

AAV2.8.5 PLASMID COBINATIONS

AAV TYPES 2 & 5 TISSUE TROPISM

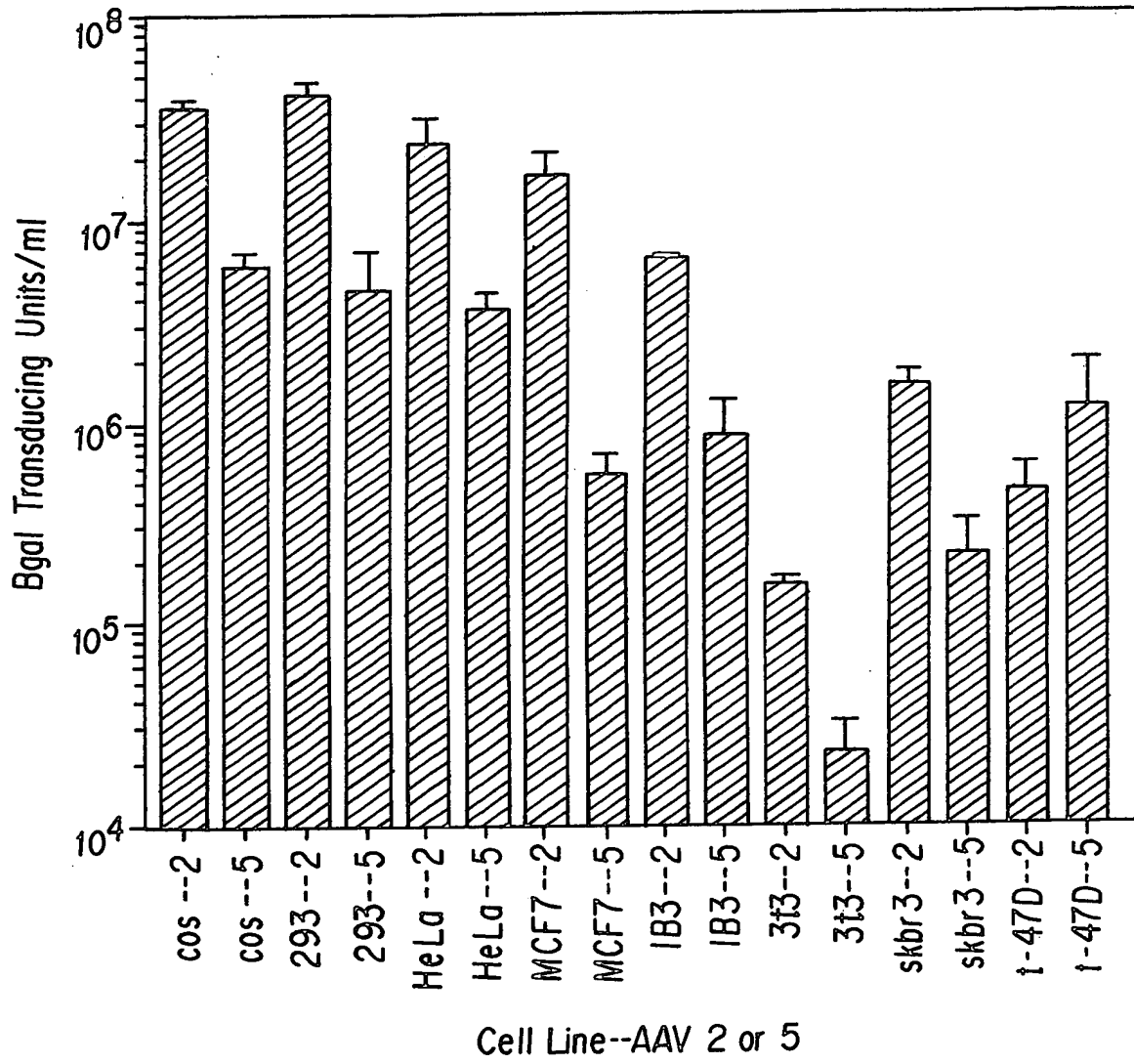


FIG. 3

 * ALIGNMENT OF TWO NUCLEOTIDE SEQUENCES. *

The two sequences to be aligned are:

AAV2CG.

Total number of bases: 4679.

AAV5CG.

Total number of bases: 4652.

Open gap cost : 10

Unit gap cost : 12

The character to show that two aligned residues are identical is ':'

```

AAV2CG  - TTGGCCACTCCCTCTCTGCGCGCTCGCTCGCTCACTGA-----GGCCGGGCGA -48
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TGGCACTCTCCCCCTGTGCGTTGCTCGCTCGCTGGCTCGTTTGGGGGGTGG -55

AAV2CG  - C-----CAAAGGTC-GCCCCACGCCCGGGCTTTGCCCGG-GCGGCCTCA----- -90
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - CAGCTCAAAGAGCTGCCAGACGACGGCCCTCTGGCCGTCGCCCCCCTAAACGAGC -110

AAV2CG  - --GTGAGCGAGCGAGCGCG-CAGAGAGG-GAGTGGCCAACTCCATCACTAGGGGT -141
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - CAGCGAGCGAGCGAACGCGACAGCGGGGAGAGTGCCACACTCTCAAGCAAGGGGG -165

AAV2CG  - TCCTGGAGGG-GTGGAGTCGTGACG-TGAATTACGTCATAGGGTTAGGGAGGTCC -194
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TTTTGTAAAGCAGTGATGTCATAATGATGTAATGCTTATTGTCACGCCGATAGTTAA -220

AAV2CG  - TGTATTAGAGGTCACGTGA-GTGTTTTGCGACATTTTGGACACC-----ATGT -242
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TG-ATTAACAGTCATGTGATGTGTTTTATCCAATAGGAAGAAAGCGCGGTATGA -274

AAV2CG  - GGTCACGCT-----GGGTATTTAAGCCCGAGTGAGCACGCAGGGTCTCCAT -288
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - GTTCTCGCGAGACTTCCGGGGTATAAAGACCGAGTGAACGAGCCCCG-CGCCAT -328

AAV2CG  - T-TTGAAGCGGGAG-GTTTGAACGCGCA-GCCGCCATGCCGGGGTTTTACGAGAT -340
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TCTTTGCTCTGGACTGCTAGAGGACCTCGCTGCCATGGCTACCTTCTATGAAGT -383
  
```

FIG. 4A

09717789 112100

AAV2CG - TGTGATTAAGTCCCCAGGCACCTTGACGGGCATCTGCCCGCATTTCTGACAGC -395
:
AAV5CG - CATTGTTCCGCTCCCATTGACGTGGAGGAACATCTGCCTGGAATTTCTGACAGC -438

AAV2CG - TTTGTGAAGTGGGTGGCCGAGAAGGAATGGGAGTTGCCGCCAGATTCTGACATGG -450
:
AAV5CG - TTTGTGGACTGGGTAAGTGGTCAAATTTGGGAGCTGCCTCCAGAGTCAGATTTAA -493

AAV2CG - ATCTGAATCTGATTGAGCAGGCACCCCTGACCGTGGCCGAGAAGCTGCAGCGCGA -505
:
AAV5CG - ATTTGACTCTGGTTGAACAGCCTCAGTTGACGGTGGCTGATAGAATTCGCCGCGT -548

AAV2CG - CTTTCTGACGGAATGGCGCCGTGTGAGTAAGGCCCCGGAGGCCCTTTTCTTTGTG -560
:
AAV5CG - GTTCCTGTACGAGTGGAACAAATTTCCAAG—CAGGAGTCCAAATTCCTTTGTG -600

AAV2CG - CAATTTGAGAAGGGAGAGAGCTACTTCCACATGCACGTGCTCGTGAAACCACCG -615
:
AAV5CG - CAGTTTGAAAAGGGATCTGAATATTTTCATCTGCACACGCTTGTGGAGACCTCCG -655

AAV2CG - GGGTGAAATCCATGGTTTTGGGACGTTTCCTGAGTCAGATTCCGGAAAACTGAT -670
:
AAV5CG - GCATCTCTTCCATGGTCCTCGGCCGCTACGTGAGTCAGATTCCGGCCCAGCTGGT -710

AAV2CG - TCAGAGAATTTACCGCGGATCGAGCCGACTTTGCCAACTGGTTCCGGGTCACA -725
:
AAV5CG - GAAAGTGGTCTTCCAGGAATTGAACCCAGATCAACGACTGGGTGCCCATCACC -765

AAV2CG - AAGACCAGAAATGGCGCCGGAGGCGGGAACAAGGTGGTGGATGAGTGCTACATCC -780
:
AAV5CG - AAGGTAAGAAGGGC—GGAGCC—ATAAGGTGGTGGATTCTGGGTATATTC -814

AAV2CG - CCAATTACTTGCTCCCCAAAACCCAGCCTGAGCTCCAGTGGGCGTGACTAATAT -835
:
AAV5CG - CCGCCTACCTGCTGCCGAAGGTCCAACCGGAGCTTCACTGGGCGTGACAAACCT -869

AAV2CG - GGAACAGTATTTAAGCGCCTGTTTGAATCTCACGGAGCGTAAACGGTTGGTGGCG -890
:
AAV5CG - GGACGAGTATAAATTGGCCGCCCTGAATCTGGAGGAGCGCAAACGGCTCGTCGGC -924

AAV2CG - CAGCATCTGACGCACGTGTGCGAGACGCAGGAGCAGAACAAAGAGAATCAGAATC -945
:
AAV5CG - CAGTTTCTGGCAGAATCCTCGCAG—CGCTCG—CAGGAGGCGGCTTCGCAGCGTG -976

FIG. 4B

AAV2CG - CCAATTCTGATGCGCCGGTGATCAGATCAAAAACCTTCAGCCAGGTACATGGAGCT -1000
:: : :: : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG - AGTTCTCGGCTGACCCGGT CATCAAAAGCAAGACTTCCCAGAAATACATGGCGCT -1031

AAV2CG - GGTGGGTGGCTCGTGGACAAGGGGATTACCTCGGAGAAGCAGTGGATCCAGGAG -1055
:
AAV5CG - CGTCAACTGGCTCGTGGAGCACGGCATCACTTCCGAGAAGCAGTGGATCCAGGAA -1086

AAV2CG - GACCAGGCCTCATACATCTCCTTCAATGCGGCCCTCCAAC TCGCGGTCCCAAATCA -1110
:
AAV5CG - AATCAGGAGAGCTACCTCTCCTTCAACTCCACGGCAACTCTCGGAGCCAGATCA -1141

AAV2CG - AGGCTGCCTTGGACAATGCGGGAAAGATTATGAGCCTGACTAAAACCGCCCCGA -1165
:
AAV5CG - AGGCCGCGCTCGACAACCGGACCAAAATTATGAGTCTGACAAAAAGCGCGGTGGA -1196

AAV2CG - CTACCTGGTGGGCCAGCAGCCCGTG-GAGGACATTTCCAGCAATCGGATTTATAA -1219
:
AAV5CG - CTACCTCGTGGGG-AGCTCCGTTCCCGAGGACATTTCAAAAAACAGAATCTGGCA -1250

AAV2CG - AATTTTGGA ACTAAACGGGTACGATCCCCAATATGCGGCTTCCGTCTTTCTGGGA -1274
:
AAV5CG - AATTTTGAGATGAATGGCTACGACCCGGCTACGCGGATCCATCCTCTACGGC -1305

AAV2CG - TGGGCCACGAAAAAGTTGGCAAGAGGAACACCATCTGGCTGTTGGGCCTGCAA -1329
:
AAV5CG - TGGTGT CAGCGCTCCTTCAACAAGAGGAACACCGTCTGGCTCTACGGACCCGCCA -1360

AAV2CG - CTACCGGGAAGACCAACATCGCGGAGGCCATAGCCCACACTGTGCCCTTCTACGG -1384
:
AAV5CG - CGACCGGCAAGACCAACATCGCGGAGGCCATCGCCACACTGTGCCCTTTTACGG -1415

AAV2CG - GTGCGTA AACTGGACCAATGAGAAC TTCCCTTCAACGACTGTGTGACAAGATG -1439
:
AAV5CG - CTGCGTGA ACTGGACCAATGAAAAC TTCCCTTTAATGACTGTGTGGACAAAATG -1470

AAV2CG - GTGATCTGGTGGGAGGAGGGGAAGATGACCGCCAAGGTCGTGGAGTCGGCCAAAG -1494
:
AAV5CG - CTCATT TGGTGGGAGGAGGGAAAGATGACCAACAAGGTGTTGAATCCGCCAAGG -1525

AAV2CG - CCATTCTCGGAGGAAGCAAGGTGCGCGTGGACCAGAAATGCAAGTCTCGGCCCA -1549
:
AAV5CG - CCATCTGGGGGGCTCAAAGGTGCGGGTCGATCAGAAATGTAATCCTCTGTTCA -1580

FIG. 4C

AAV2CG - GATAGACCCGACTCCCCTGATCGTCACCTCCAACACCAACATGTGCCCGTGATT -1604
:: :: : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
AAV5CG - AATTGATTCTACCCCTGTCATTGTAACCTCCAATACAAACATGTGTGTGGTGGTG -1635

AAV2CG - GACGGGAACCTAACGACCTTTCGAACACCAGCAGCCGTTGCAAGACCGGATGTTCA -1659
:: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
AAV5CG - GATGGGAATTCCACGACCTTTGAACACCAGCAGCCGCTGGAGGACCGCATGTTCA -1690

AAV2CG - AATTTGAACTCACCCGCCGTCTGGATCATGACTTTGGGAAGGTCACCAAGCAGGA -1714
:: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
AAV5CG - AATTTGAACTGACTAAGCGGCTCCCCCAGATTTTGGCAAGATTACTAAGCAGGA -1745

AAV2CG - AGTCAAAGACTTTTTCCGGTGGGCAAAGGATCACGTGGTTGAGGTGGAGCATGAA -1769
:: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
AAV5CG - AGTCAAGGACTTTTTTGCTTGGGCAAAGGTCAATCAGGTGCCCGTGA CT CACGAG -1800

AAV2CG - TTCTACGTCAAAAAGGG—TGGAGCCAAGAAAAGACCCGCCCCAGTGACGCAGA -1822
:: : :: : :: : :: : :: : :: : :: : :: : :: :
AAV5CG - TTTAAAGTTCCCAGGAATTGGCGGGAATAAAGGGGCG——GAGAAATCTC -1849

AAV2CG - TATAAGTGAGCCCAAACGGGTGCGCGAGTCAGTTGCGCAGCCATCGACGTCAGAC -1877
:: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
AAV5CG - TAAAAAC—GCCCACT—GGGTGA—CGTCACCAATACT—AGCTATAAAAGTCTGGA -1898

AAV2CG - GCGGAAGCTTCGATCAACTACGCAGACAGGTACCAAAACAAAT-GTTCTCGTCAC -1931
: :: :: : :: : :: : :: : :: : :: : :: : ::
AAV5CG - G—AAGC—GGGCCAGGCTCTCATTT-GTTCCCGAGACGCTCGCAGTTCAGAC -1947

AAV2CG - GTGGGCATGAATCT-GATGCTGTTTCCCTGCAGACAATGCCAGAGAATGAATCAG -1985
:: : : :: : :: : :: : :: : :: : :: : :: :
AAV5CG - GTGACTGTTGATCCCGCTCCTCTGCGACCGCTCA-ATTGGAATTC AAGGTAT—G -1999

AAV2CG - AATTCAAATATCTGCTTCACTCACGGACAGAAAGACTGTTTAGAGTGCTTTCCCG -2040
: : :: :: : : :: : :: : :: : :: : :: : :: :
AAV5CG - ATTGCAAATG—TGACT—A-TCATGCTCAATTGACA——ACATTTCTAACAAA -2046

AAV2CG - TGTC A—GAATCTCAACCCGTTTCTGTGTC AAAAAGGC—GTATCAGAACTGTG -2092
:: : :: :: : :: : :: : :: : :: : :: : :: : ::
AAV5CG - TGTGATGAATGTGAATATTTGAATCGGGGCAAAATGGATGTATCTGTCACAATG -2101

AAV2CG - CTACATTCA-TCATAT——CATGGGAAAGGTGCCAGACGCTTGCACTGCCTGCG -2142
:: : :: :: : :: : :: : :: : :: : :: : :: : ::
AAV5CG - TAACTCACTGTCAAATTTGTCATGGGATTCCCCCTGGGAAAAGGAAAAC TTG— -2154

AAV2CG - ATCTGGTCAATGTGGATTTGGATGACTGCATCTTTGAACAATAAATGATTTAAAT -2197
:: : : :: : :: : :: : :: : :: : :: : :: :
AAV5CG - —TCAGATTT-TGGGGATTTTGACGATGCCAATAAAGAACAGTAAATAAAGCGAGT -2207

FIG. 4D

AAV2CG - CAGGTATGGCTGCCGATGGTTATCTTCCAGATTGGCTCGAGGACACTCTCTCTGA -2252
:: ::
AAV5CG - AGTCATGTCTTTTGTTGATCACCTCCAGATTGGTTGGAAGAAGTTGG—TGA -2258

AAV2CG - AGGAATAAGACAGTGGTGAAGCTCAAACCTGGCCCACCACCACCAAGCCCGCA -2307
::
AAV5CG - AGGTCTTCGCAGTTTTTGGGCCTTGAAGCGGGCCCACCGAAACCAAAACCCAAT -2313

AAV2CG - GAGCGGCATAAGGACGACAGCAGGGTCTTGTGCTTCTGGGTACAAGTACCTCG -2362
::
AAV5CG - CAGCAGCATCAAGATCAAGCCCGTGGTCTTGTGCTGCCTGGTTATAACTATCTCG -2368

AAV2CG - GACCCTTCAACGACTCGACAAGGGAGACCGGTCAACGAGGCAGACGCCGCGGC -2417
::::
AAV5CG - GACCCGGAACCGTCTCGATCGAGGAGACCTGTCAACAGGCAGACGAGGTCCG -2423

AAV2CG - CCTCGAGCAGACAAAGCCTACGACCGGCAGCTCGACAGCGGAGACAACCCGTAC -2472
:
AAV5CG - GCGAGAGCAGCAGATCTCGTACAACGAGCAGCTTGAGGCGGGAGACAACCCCTAC -2478

AAV2CG - CTCAAGTACAACCACGCCGACGCGGAGTTTCAGGAGCGCCTTAAGAAGATACGT -2527
:
AAV5CG - CTCAAGTACAACCACGCCGACGCCGAGTTTCAGGAGAAGCTCGCCGACGACAT -2533

AAV2CG - CTTTTGGGGCAACCTCGGACGAGCAGTCTTCCAGGCGAAAAAGAGGGTTCTTGA -2582
:
AAV5CG - CCTTCGGGGCAACCTCGGAAAGGCAGTCTTTCAGGCCAAGAAAAGGGTTCTCGA -2588

AAV2CG - ACCTCTGGGCTGGTTGAGAACCTGTTAAGACGGCTCCGGGAAAAAAGAGGCCG -2637
:
AAV5CG - ACCTTTTGGCTGGTTGAAGAGGGTGCTAAGACGGCCCCCTACCGGAAAGCGGATA -2643

AAV2CG - GTAGAGCACTCTCTGTGGAGCCAGACTCCTCCTCGGGAACCGGAAAGCGGGCC -2692
:
AAV5CG - GACGACCACTTTCCAAAA-AGAAAGAAGGCTC—GGA-CCGAAGAGGACT-CC -2691

AAV2CG - AGCAGCCTGCAAGAAAAAGATTGAATTTTGGTCAGACTGGAGACCGAG-ACTCAG -2746
:
AAV5CG - A-AGCCTTCCACC———TCGTCAGAC-GCCGAAGCTGGACCCAG -2729

AAV2CG - TACCTGACCCCCAGCCTCTCGGACAGCCACCAGCAGCCCCCTCTGGTCTGGGAAC -2801
:
AAV5CG —CGGATCCC-AGCAGCTGCAAATCCAGCCCAACCAGCCTCAAGTTTGGGAGC -2780

FIG.4E

AAV2CG - TAATACGATGCCTACAGGCAGTGGCCGCCAATGGCAGACAATAACGAGGGCGCC -2856
:
AAV5CG - TGATACAATGTCTGCGGGAGGTGGCGGCCCATTTGGGCGACAATAACCAAGGTGCC -2835

AAV2CG - GACGGAGTGGGTAATTCTCGGGAATTGGCATTGCGATTCCACATGGATGGGCG -2911
:
AAV5CG - GATGGAGTGGGCAATGCCTCGGGAGATTGGCATTGCGATTCCACGTGGATGGGGG -2890

AAV2CG - ACAGAGTCATCACACCAGCACCCGAACCTGGGCCCTGCCACCTACAACAACCA -2966
:
AAV5CG - ACAGAGTCGTACCAAGTCCACCCGAACCTGGGTGCTGCCCAGCTACAACAACCA -2945

AAV2CG - CCTCTACAAACAAATTTCCAGCCAATCAGGAGCCTCGA—ACGACAATCACTAC -3018
:
AAV5CG - CCAGTACCGAGAGATCAAAGCGGCTCCGTGACGGAAGCAACGCCAACGCCTAC -3000

AAV2CG - TTTGGCTACAGCACCCCTTGCGGGTATTTTGACTTCAACAGATTCCACTGCCACT -3073
:
AAV5CG - TTTGGATACAGCACCCCTTGCGGGTACTTTGACTTTAACCGCTTCCACAGCCACT -3055

AAV2CG - TTTCACCACGTGACTGGCAAAGACTCATCAACAACACTGGGGATTCCGACCCAA -3128
:
AAV5CG - GGAGCCCCGAGACTGGCAAAGACTCATCAACAACACTACTGGGGCTTCAGACCCCG -3110

AAV2CG - GAGACTCAACTTCAAGCTCTTTAACATTCAAGTCAAAGAGGTCACGCAGAATGAC -3183
:
AAV5CG - GTCCCTCAGAGTCAAAATCTTCAACATTCAAGTCAAAGAGGTCACGGTGCAGGAC -3165

AAV2CG - GGTACGACGACGATTGCCAATAACCTTACCAGCACGTTTACGGTGTCTTACTGACT -3238
:
AAV5CG - TCCACCACCACCATCGCCAACAACCTCACCTCCACCGTCCAAGTGTCTTACGGACG -3220

AAV2CG - CGGAGTACCAGTCCCCTACGTCTCGGCTCGGCGCATCAAGGATGCCTCCCGCC -3293
:
AAV5CG - ACGACTACCAGTGCCCTACGTCTCGGCAACGGGACCGAGGGATGCCTGCCGGC -3275

AAV2CG - GTTCCCAGCAGACGTCTTCATGGTGCCACAGTATGGATACCTCACCTGAACAAC -3348
:
AAV5CG - CTTCCCTCCGACGTCTTACGCTGCCGAGTACGGTTACGCGACGTGAACCGC -3330

AAV2CG - GGGAGT-CAGGCAGTAGGAC—GCTCTTCA—TTTTACTGCCTGGAGTACTTTC -3397
:
AAV5CG - GACAACACAGAAAATCCCACCGAGAGGAGCAGCTTCTTCTGCCTAGAGTACTTTC -3385

FIG. 4F

AAV2CG - CTTCTCAGATGCTGCGTACCGGAAACAAC TTTACCTTCAGCTACACTTTTGAGGA -3452
:
AAV5CG - CCAGCAAGATGCTGAGAACGGGCAACAAC TTTGAGTTTACCTACAAC TTTGAGGA -3440

AAV2CG - CGTTCC TTTCCACAGCAGCTACGCTCACAGCCAGAGTCTGGACCGTCTCATGAAT -3507
:
AAV5CG - GGTGCCCTTCCA CTCCAGCTTCGCTCCCAGTCAGAACCTGTTC AAGCTGGCCAAC -3495

AAV2CG - CCTCTCATCGACCAGTACCTGTATTACTT—GAGCAGAACAAACACTC—— -3553
:
AAV5CG - CCGCTGGTGGACCAGTACTTGTACCGCTTCGTGAGCACAAATAACACTGGCGGAG -3550

AAV2CG - —CAAGTGAACCAACCAC—GCAGTCA-AGGCTTCAGTT—TTCTCAGGCCGGAG -3601
:
AAV5CG - TCCAGTTCAACAAGA ACCTGGCCGGGAGATACGCCAACACCTACAAAAACTGGTT -3605

AAV2CG - CGAGTGACATTCGGGACCAGTCTAGGA ACTGGCTTCCTGGACCCTGTTACCGCCA -3656
:
AAV5CG - CCCGGGGCCCATGGGCCGAACCCAGGG-CTGGAA-CCTGGGCTCCGGGGTCAACC -3658

AAV2CG - GCAGCGAGTATCAAAGACATCTGCGGATAACAACAACAGTGAATACTCGTGGACT -3711
:
AAV5CG - GC-GCCAGTGT CAGCGCCTTC-GCCACGACCAATAGGA-TGGAG-CTCGAGGGCG -3709

AAV2CG - GGAGCTACCAAGTACCACCTCAATGCCAGAGACTCTCTGGTGAATCCGGGCCCCG -3766
:
AAV5CG - CGAGTTACCAGGTGCCCCCGCA—GCCGA-ACGGCATGACCAACAACCTCCAGG -3760

AAV2CG - CCATGGCAAGCCACAAGGACGATGAAGAAAAGTTTTTCTCAGAGCGGGGTTCT -3821
:
AAV5CG - GCA—GCAA—CACCTATGCCCTGGAGAACACTATGATCTTCAA—CAG—C— -3804

AAV2CG - CATCTTTGGAAGCAAGGCTCAGAGAAAACAAATGTGGACATTGAAAAGGTCATG -3876
:
AAV5CG - CAGCCG-GCGAACCCGGGACCACCGCCACGTACCTCGAGGGCAACATGCTCATC -3858

AAV2CG - ATTACAGACGAAGAGGAAATCAGGACAACCAATCCCGTGGC-TACGGAGCAGTAT -3930
:
AAV5CG - AC—CAG-CGAGAGCGAGACGCAGCCGGTGAACCGGTGGCGTACAACGTGGCG -3910

AAV2CG - GGTTCGTGTATCTACCAACCTCCAGAGAGGCAACAGACAAGCAGCTACCGCAGATG -3985
:
AAV5CG - GGCAGA-TGGCCACCAACAACCAGAGCTCCACC ACTGCCCCCGGACCGGCACGT -3964

FIG. 4G

AAV2CG	- TCAACACACAAGGCGTTCTTCCAGGCATGGTCTGGCAGGACAGAGATGTGTACCT	-4040
	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	
AAV5CG	- ACAACCTCCAGGAAATCGTGCCCGGCAGCGTGTGGATGGAGAGGGACGTGTACCT	-4019
AAV2CG	- TCAGGGGCCCATCTGGGCAAAGATTCCACACACGGACGGACATTTTCACCCCTCT	-4095
	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	
AAV5CG	- CCAAGGACCCATCTGGGCCAAGATCCCAGAGACGGGGGCGCACTTTCACCCCTCT	-4074
AAV2CG	- CCCCTCATGGGTGGATTGGACTTAACACCCTCCTCCACAGATTCTCATCAAGA	-4150
	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	
AAV5CG	- CCGGCCATGGCGGATTGGACTCAAACACCCACCGCCCATGATGCTCATCAAGA	-4129
AAV2CG	- ACACCCCGGTACCTGCGAATCCTTCGACCACCTTCAGTG-CGGCAAAGTTTGCTT	-4204
	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	
AAV5CG	- ACACGCCTGTGCCCCGGAATA-TC-ACCAGCTTCTCGGACGTGCCCCGTACGACG	-4181
AAV2CG	- CCTTCATCACACAGTACTCCACGGGACAGGTCAGCGTGGAGATCGAGTGGGAGCT	-4259
	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	
AAV5CG	- C-TTCATCACCCAGTACAGCACCGGGCAGGTCACCGTGGAGATGGAGTGGGAGCT	-4235
AAV2CG	- GCAGAAGGAAAACAGCAAACGCTGGAATCCCGAAATTCACTACACTTCCAACACTAC	-4314
	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	
AAV5CG	- CAAGAAGGAAAACTCCAAGAGGTGGAACCCAGAGATCCAGTACACAAACAACTAC	-4290
AAV2CG	- AACAACTCTGTTAATGTGGACTTTACTGTGGACACTAATGGCGTGATTTCAGAGC	-4369
	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	
AAV5CG	- AACGACCCCCAGTTTGTGGACTTTGCCCCGGACAGCACCGGGGA-ATACAGAAC	-4343

FIG. 4H

[illegible]

```
Identity : 3013 (64.77%)
Number of gaps inserted in AAV2CG: 43
Number of gaps inserted in AAV5CG: 63
```

==23-SEP-1999==NALIGN==PC/GENE==

FIG. 41

==23-SEP-1999==PC/GENE==

 * ALIGNMENT OF TWO PROTEIN SEQUENCES. *

The two sequences to be aligned are:

AAV2VP1.
 DE VP1
 OS AAV2
 Total number of residues: 735.

AAV5VP1.
 DE AAV5VP1
 OS AAV5VP1
 Total number of residues: 724.

Comparison matrix : Structure-genetic matrix.
 Open gap cost : 8
 Unit gap cost : 5

The character to show that two aligned residues are identical is ':'
 The character to show that two aligned residues are similar is '.'
 Amino acids said to be 'similar' are: A,S,T; D,E; N,Q; R,K; I,L,M,V; F,Y,W

```

AAV2VP1 - MAADGYLPDWLEDTLSEGIQWKLKPGPPPKPAERHKDDSRGLVLPGYKYLGP -55
          :.      :.:.:. . :.:. . : :.:. :. : :.:.:. :.:.
AAV5VP1 - MSFVDHPPDWLEE-VGEGLREFLGLEAGPPKPKPNQQHQDQARGLVLPGYNYLGP -54

AAV2VP1 - FNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDRQLDSGDNPYLKYNHADAEFQERLKEDTSF -110
          :.:.:.:. :. : :. :. :. :.:.:.:.:. :.:.:.
AAV5VP1 - GNGLDRGEPVNRADDEVAREHDISYNEQLEAGDNPYLKYNHADAEFQEKLADDTSF -109

AAV2VP1 - GGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEPVKTAPGKKRPVEHSPVEPDSSSGTGKAGQQ -165
          :.:.:.:. :.:. :. :. :. :. :. :. :. :.
AAV5VP1 - GGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEGAKTAPTGKRIDDHFPKR-KKARTEEDSKP -162

AAV2VP1 - PARKRLNFGQTGDADSVDPDQPLGQPPAAPSGLGTNTMATGSGAPMADNNEGADG -220
          :. : :. :. :. :. :. :. :. :. :.
AAV5VP1 - STS-----SDAEGPSGSQQLQIPAQPASSLGADTMSAGGGGPLGDNNQGADG -210

AAV2VP1 - VGNSSGNWHCDSTWMGDRVITTTSTRTWALPTYNNHLYKQISSQSG-ASNDNHYFG -274
          :.:. :.:. :.:. :. :. :. :. :. :.
AAV5VP1 - VGNASGDWHCDSTWMGDRVVTKSTRTWVLPSTNNHLYKQISSQSG-ASNDNHYFG -265
  
```

FIG.5A

09747789 112100

AAV2VP1 - YSTPWGYGDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTQN DGT -329
:
AAV5VP1 - YSTPWGYGDFNRFHSWSPRDWQRLINNYWGFRPRSLRVKIFNIQVKEVTVDST -320
:

AAV2VP1 - TTIANNL TSTVQVF TDSEYQLPYVLGSAHQGC LPPF PADVF MVPQYGYL TLNGS -384
:
AAV5VP1 - TTIANNL TSTVQVF TDDYQLPYVVGN GTEGCLPAFP PQVF TLPQYGYATLNRDN -375
:

AAV2VP1 - Q—AVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGN NF TF SYTFEDVPFHSSYAHSQS LDRLMNPL -437
:
AAV5VP1 - TENPTERSSF FCLEYFPSKMLRTGN NFEFTYNFEEVPFHSSFAPSQNLFKLAN PL -430
:

AAV2VP1 - IDQYL YYLS RTNTPS GTTTQS RLQFSQAGASDIRDQSRNW LPGPCYRQQ RVSKTS -492
:
AAV5VP1 - VDQYL YRFV STNNTCG——VQFNKNLAGRYANTYKNWFPGPMGR TGWNLG S -479
:

AAV2VP1 - ADN NNSEYSWTG ATKYHLNG RD SLVN PG PAMASHKDDEEKF FPQSG VLI FGKQGS -547
:
AAV5VP1 - GV NRASVS AFATTNRMELEGASYQV PPQP NGMTNNLQGSNTYALE NTMIFNSQ PA -534
:

AAV2VP1 - EKT NVDI —EKVMIT DEEEIRTTNPVATEQYGSVSTNLQR CNRQAATADVNTQG -599
:
AAV5VP1 - NP GTTATYLEGN MLIT SESETQPVNRVAYNVGGQM ATNNQSSTTAPATGTYNLQE -589
:

AAV2VP1 - VLPGMWWD R DVYLQGP I WAKIPHTDG HFHP SPLMG GFGLKH PPPQILIKNTP VP -654
:
AAV5VP1 - IVPGSWMERDVYLQGP IWAKIPE TGAHF HP SPAMGGF GLKHPPPML IKNTPVP -644
:

AAV2VP1 - ANPSTTF SAAKFA SFITQYSTGQVSVEIEWELQ KEN SKRWNP EIQTSNYNKSVN -709
:
AAV5VP1 - GNI-TSFSDVPV SSFITQYSTGQ VTVE MEWLKKENS KRWNPEIQYTNNYNDPQF -698
:

AAV2VP1 - VDF TVDTNGVYSE PRPIGTRYLTRNL -735
:
AAV5VP1 - VDF APDSTGEYRTTRPIGTRYLTRPL -724

Identity : 421 (58.2%)
Similarity: 63 (8.7%)
Number of gaps inserted in AAV2VP1: 3
Number of gaps inserted in AAV5VP1: 5

==23-SEP-1999==PC/GENE==

FIG. 5B

==23-SEP-1999==PALIGN==PC/GENE==

 * ALIGNMENT OF TWO PROTEIN SEQUENCES. *

The two sequences to be aligned are:

REP78.

DE REP78

OS AAV

Total number of residues: 621.

AAV5REP.

DE REP

OS AAV5

Total number of residues: 610.

Comparison matrix : Structure-genetic matrix.

Open gap cost : 8

Unit gap cost : 5

The character to show that two aligned residues are identical is ':'

The character to show that two aligned residues are similar is '.'

Amino acids said to be 'similar' are: A,S,T; D,E; N,Q; R,K; I,L,M,V; F,Y,W

```

REP78      - MPGFEYIVIKVPSDL DGHLPGISDSFVNWVAEKEWELPPDSMDLNL IEQAPLTV -55
              : ::::::::::: :. ::::::::::: :. ::::::::::: :. ::::::::::: :.
AAV5REP    - MATFYEIVRVPDFVEEHLPGISDSFVDWVTGQIWELPPESDLNL TLVEQPQLTV -55

REP78      - AEKLQRDFLTEWRRVSKAPEALFFVQFEKGESYFHMHLVETTGVKSMVLGRFLS -110
              :... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - ADRIIRVFLYEWNKFSKQ-ESKFFVQFEKGSEYFHLHTLVETSGISSMVLGRYVS -109

REP78      - QIREKLIQRIYRGIEPTLPNWF AVTKTRNGAGGKNKVDECYIPNYLLPKTQP EL -165
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - QIRAQLVKVVFQGI EPQINDWVAITKVKKG-GANKVVDSGYIPAYLLPKVQPEL -162

REP78      - QAWTNMEQYLSACLNL TERKRLVAQHL THVSQTQE QNKENQNPNSDAPVIRSKT -220
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - QAWTNLDEYKLAALNLEERKRLVAQFLA-ESSQRSQEAASQREF SADPVIKSKT -216

REP78      - SARYMELVGWLVDKGITSEKQWIQEDQASYISFNAASNSRSQIKAALDNAGKIMS -275
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - SQKYMALVNWLV EHGITSEKQWIQENQESYLSFNSTGNSRSQIKAALDNATKIMS -271
  
```

FIG.6A

09747789 112100

```

REP78      - LTKTAPDYLVGQQPVEDISSNRIYKILELNGYDPQYAASVFLGWATKKFGKRNTI -330
             ::::: ::::: ::::: ::::: : ::::: : : : :::::
AAV5REP    - LTKSAVDYLVGSSVPEDISKNRIWQIFEMNGYDPAYAGSILYGWCQRSFNKRNTV -326

REP78      - WLFGPATTGKTNIAEAIAHTVPFYGCVNWTNENFPFNDCVDKMVIWEEGKMTAK -385
             ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AAV5REP    - WLYGPATTGKTNIAEAIAHTVPFYGCVNWTNENFPFNDCVDKMLIWEEGKMTNK -381

REP78      - VVESAKAILGGSKVRVDQKCKSSAQIDPTPVI VTSNTNMC AVIDGNSTTFEHQQP -440
             ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AAV5REP    - VVESAKAILGGSKVRVDQKCKSSVQIDSTPVI VTSNTNMC VVDGNSTTFEHQQP -436

REP78      - LQDRMFKFELTRRLDHDFGKVTKQEVKDFFRWAKDHVVEVEHEFYVKKGGAKKRP -495
             :::::::::::::: :::::::::::::: ::::: : : :::::
AAV5REP    - LEDRMFKFELTKRLPPDFGK I TKQEVKDF FAWAKVNQVPVTHEFKV——PRELA -487

REP78      - APSDADISEPKRVRESVAQPSTSDAEASINYADRYQNKCSRHVGMNLM LFPCRQC -550
             : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - GTKGAES-LKRPLGDVTNTSYKSLEKRARLSFVPETPRSSDVTVDPA—PLRPL -539

REP78      - ERMNQNSNICFTHGQKDCLECFPVSESQPVSVVKKAYQKLCYIHHIMGKVPDACT -605
             : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - NWNSRYDCKCDYHAQFDNI-SNKCDECEYLN RGKNGCICHNVTHCQICHGIPPWE -593

REP78      - ACDLVNV-DLDDCIFEQ -621
             : : : : :
AAV5REP    - KENLSDFGDFDDANKEQ -610

```

Identity : 363 (59.51%)

Similarity: 55 (9.02%)

Number of gaps inserted in REP78: 1

Number of gaps inserted in AAV5REP: 7

==23-SEP-1999=====PALIGN=====PC/GENE=====

FIG.6B

Apical transduction of human airway epithelia with rAAV2 and rAAV5

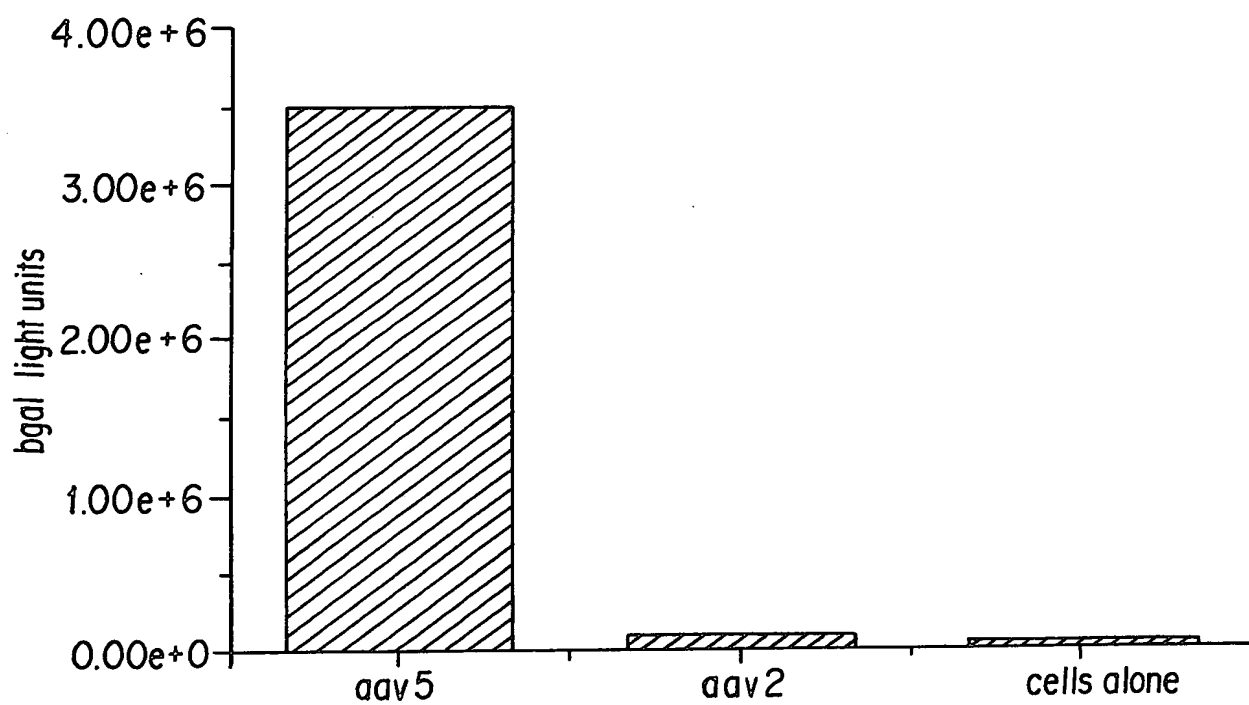


FIG. 7

transduction of primary myoblasts

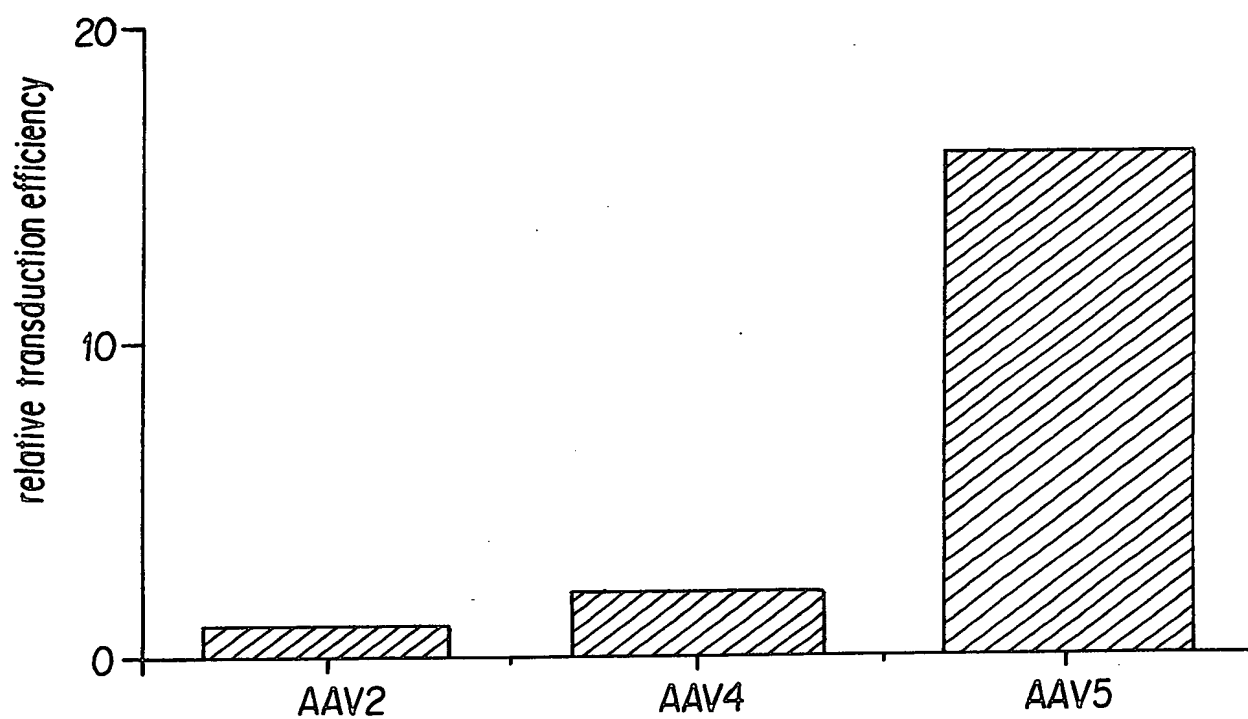


FIG. 8

09717789 112100
00T2T 6877760

rAAV5 Primary Rat Brain Explant



FIG.9

09717789.112100

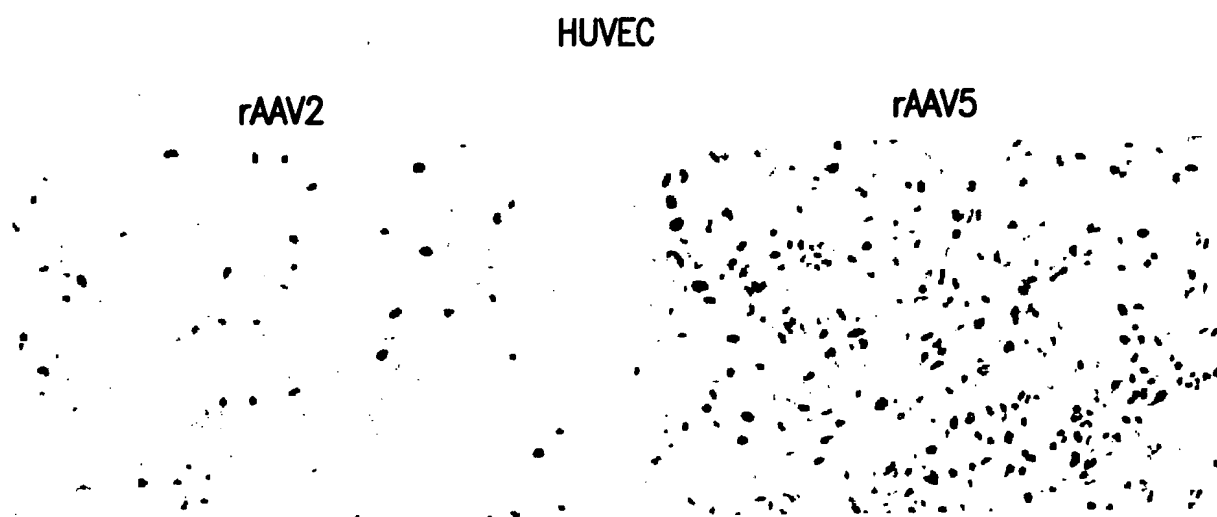


FIG.10